

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

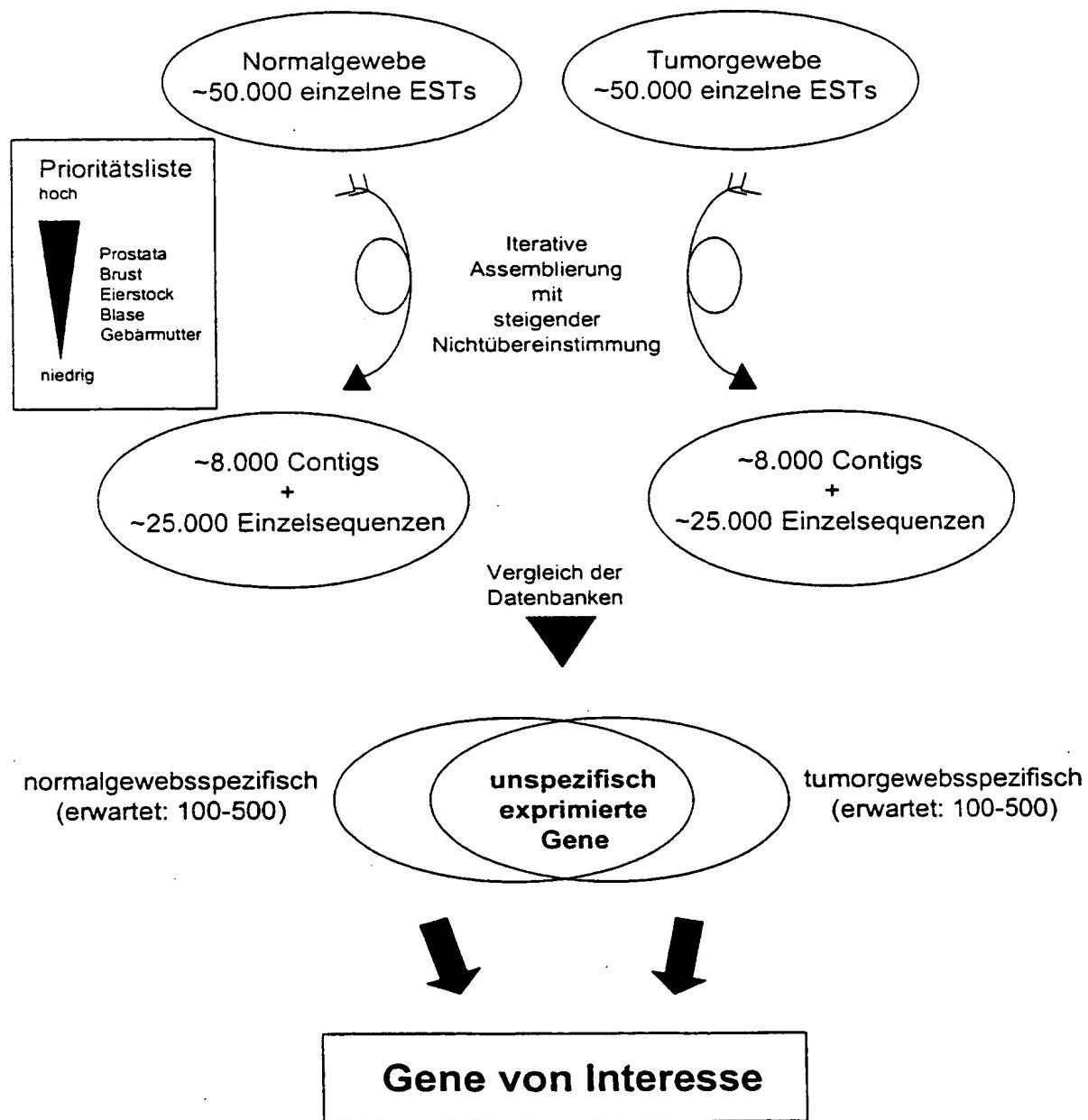


Fig. 1

ERSATZBLATT (REGEL 26)

APPROVED	O.G. FIG.	
BY	CLASS	SUBCLASS
DRAFTSMAN	0005	432 S S

09/646778

2/10

Principle of EST Assembly

-50,000 ESTs per tissue

**Assembly at 0% mismatch
with GAP4 (Staden)**

Contigs

Individual sequences

**Contigs increasing in
number and length**

**Iterative assembly with
increasing mismatch
(1%, 2%, 4%)**

5000-6000 contigs

**~25,000 other individual
sequences**

**~30,000 consensus-
sequences per tissue**

Figure 2a

REPLACEMENT PAGE (RULE 26)

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

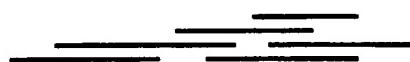
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0%
Nichtübereinstimmung
mit GAP4 (Staden)



Contigs



Einzelsequenzen



In Anzahl und Länge
zunehmenden Contigs



5000-6000 Contigs

Iterative Assemblierung
mit steigender
Nichtübereinstimmung
(1%, 2%, 4%)

~25.000 übrige
Einzelsequenzen

~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

ERSATZBLATT (REGEL 26)

3/10

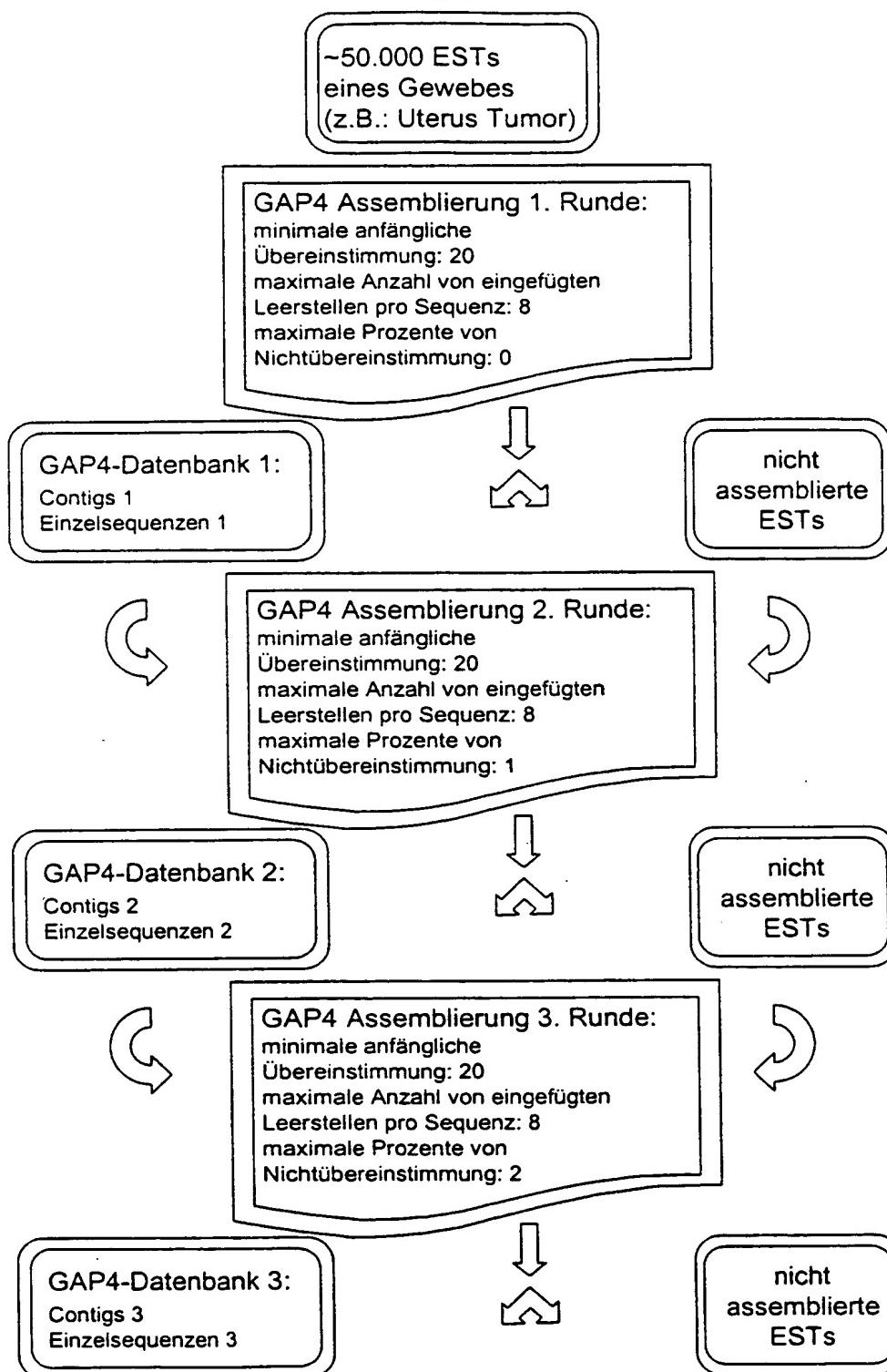


Fig. 2b1

4/10

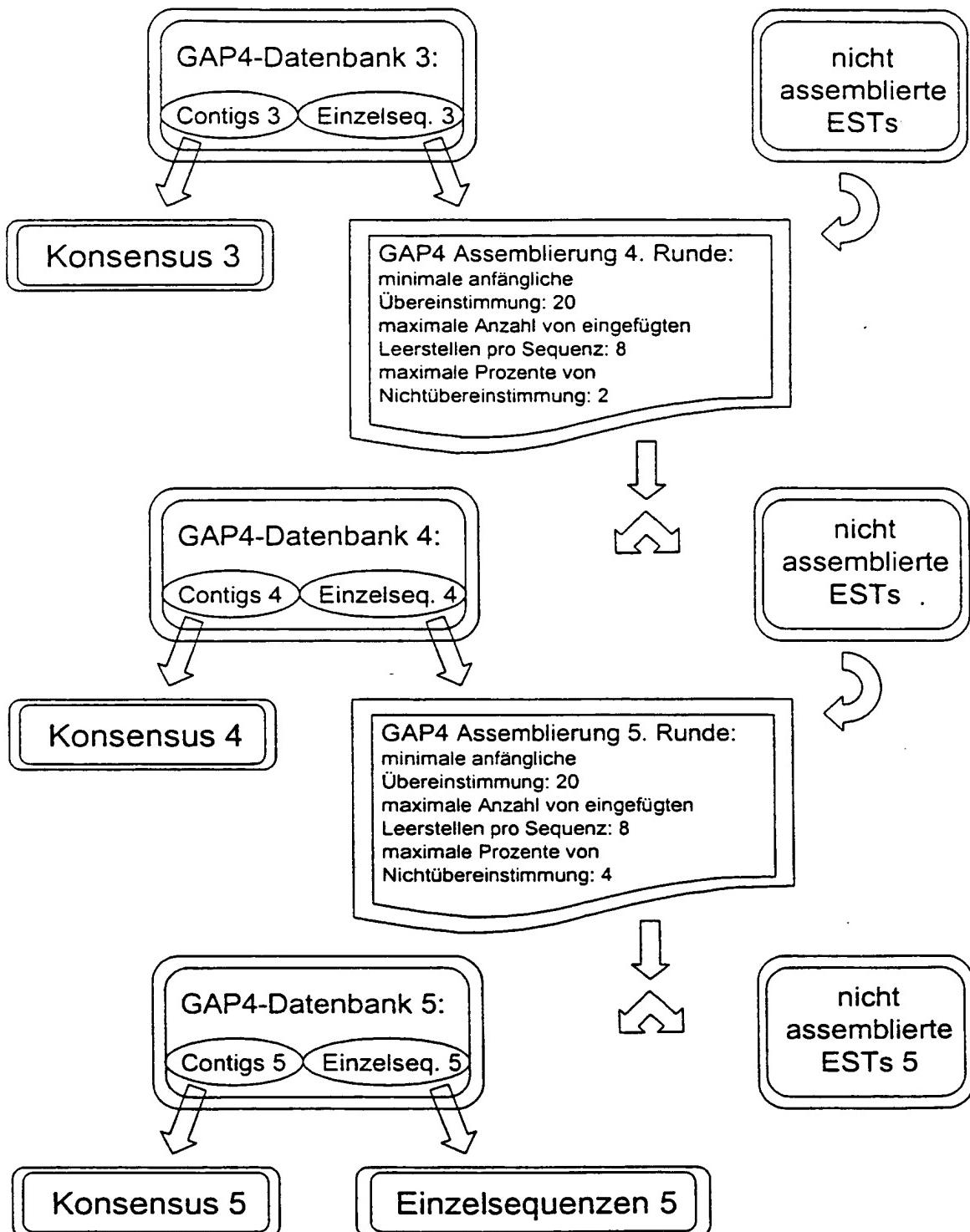


Fig. 2b2

5/10

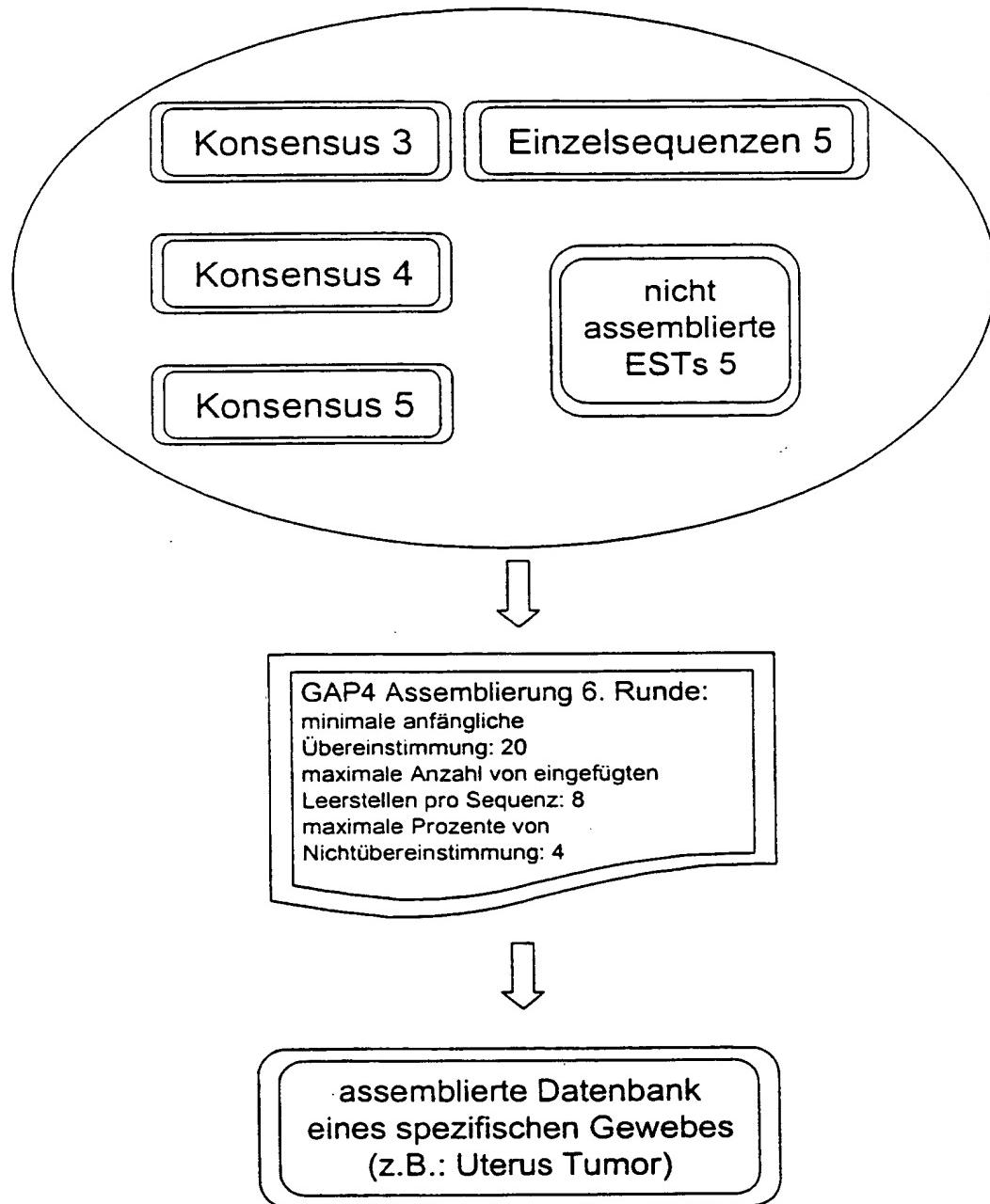


Fig. 2b3

6/10

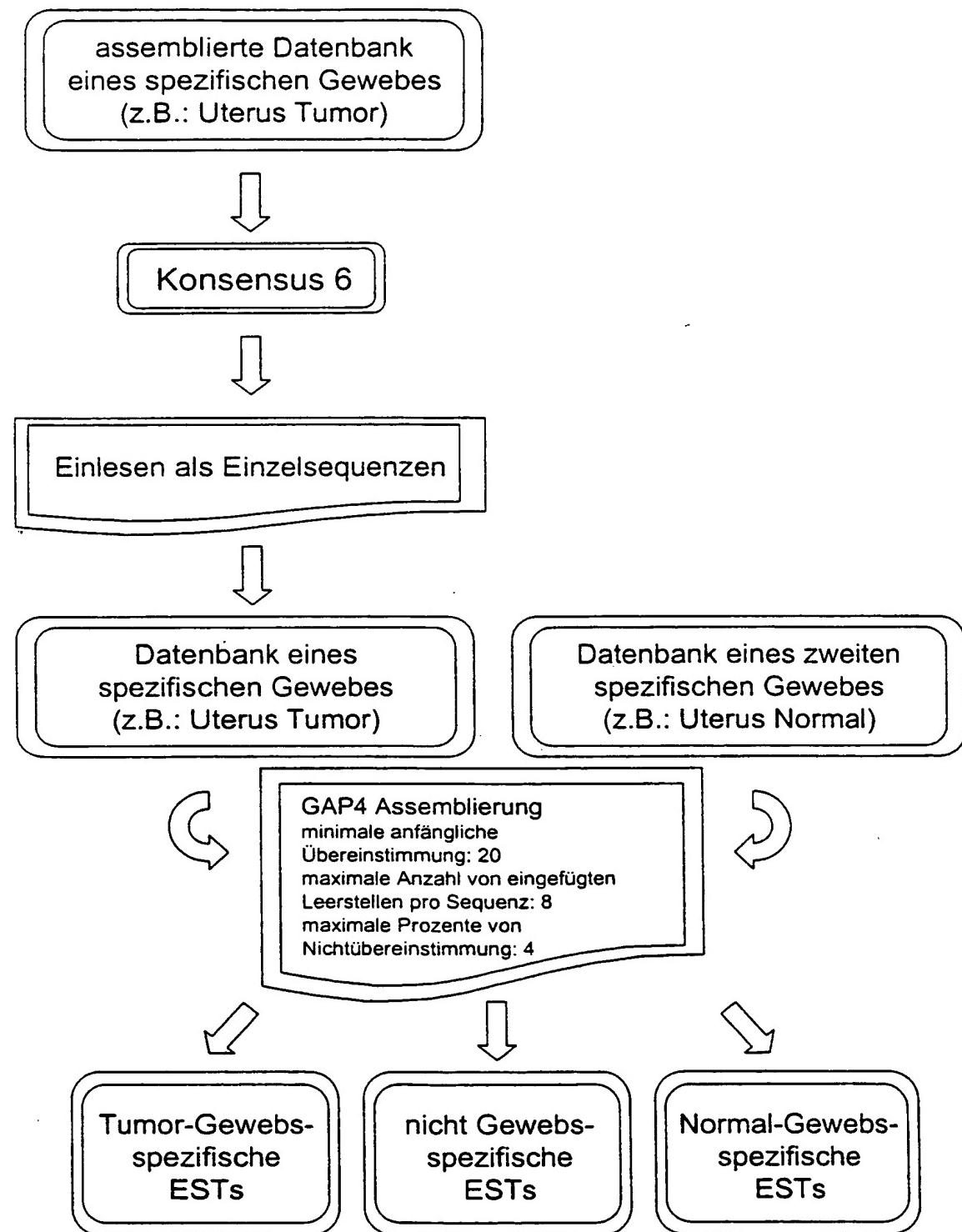


Fig. 2b4

APPROVED	O G. FIG.
BY:	CLASS SUBCLASS
DRAFTSMAN	WO 99/53040

09/646778

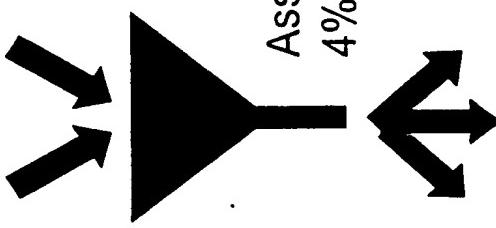
PCT/DE99/01087

7/10

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Tumorgewebe



Krebsgewebe
Spezifische Gene

In beiden Geweben
exprimierte Gene

Fig. 3

8/10



Gene von Interesse

Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern (INCYTE LifeSeq und öffentliche EST Datenbanken)

Kandidatengene für Tumorsuppressoren oder Tumoraktivatoren

Fig. 4a

9/10

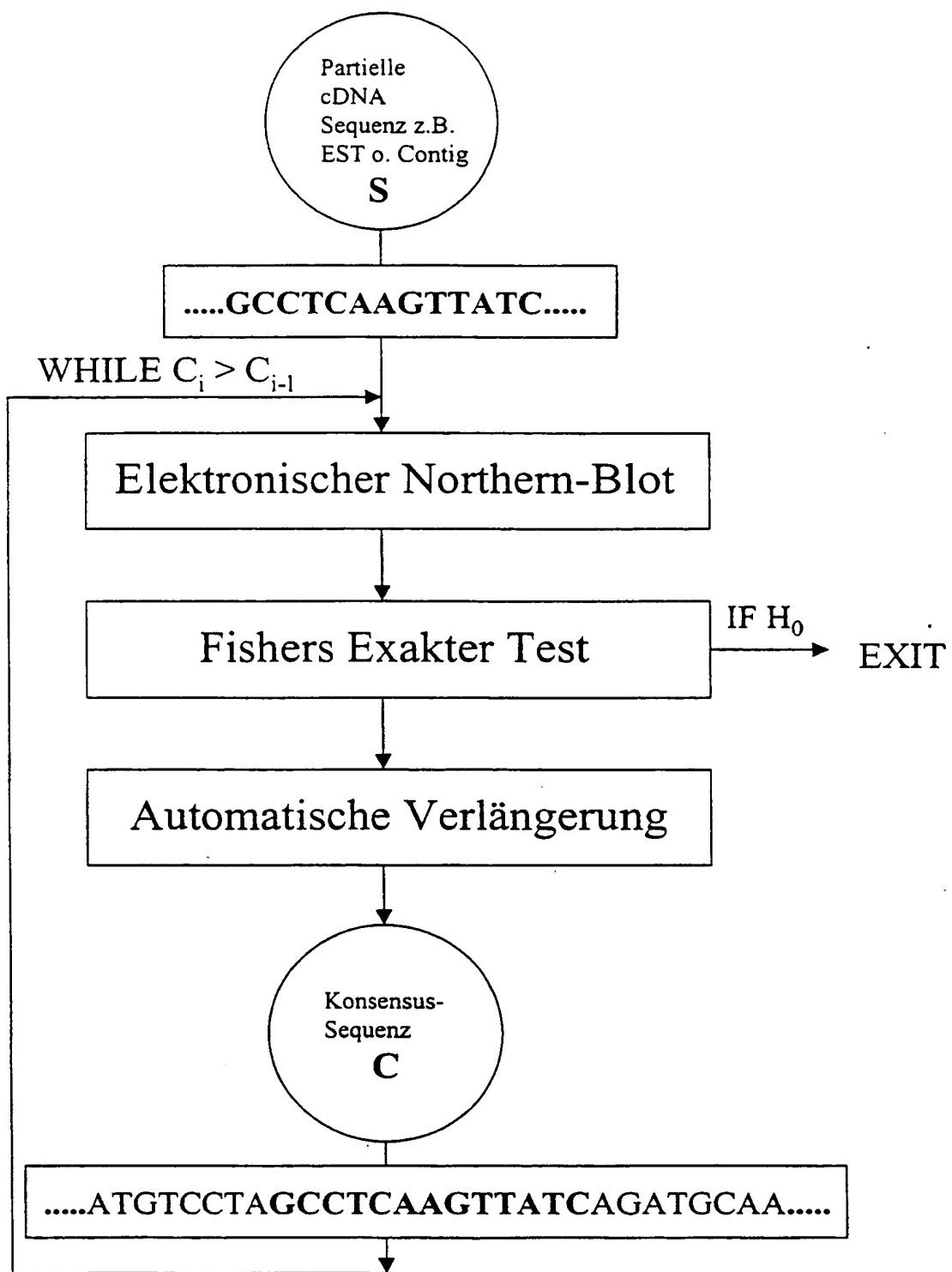


Fig. 4b

APPROVED	O G. FIG.
BY	CLASS SUBCLASS
DRAFTSMAN	WO 99/53040

DEUTSCHE PATENT- UND
MARKEN AUSSTELLUNG
WIEN
WO 99/53040

09/646778

PCT/DE99/01087

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

ERSATZBLATT (REGEL 26)